

A Ciência e os caminhos do desenvolvimento

Seleção de indivíduos superiores de *Psidium guajava* via inferência bayesiana

Flavia Alves da Silva¹, Alexandre Pio Viana¹, Caio Cezar Guedes Correa¹, Beatriz Murizini Carvalho¹, Rodrigo Moreira Ribeiro¹, Durval Felix da Silva Netto¹.

¹Laboratório de Melhoramento e Genética Vegetal (LMGV), Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darci Ribeiro (UENF).

A abordagem bayesiana aplicada no melhoramento genético base

ia-se no conhecimento da distribuição a posteriori de uma cadeia de iterações. Neste processo, a função de verossimilhança conecta a priori (informação prévia do experimento) à distribuição posteriori, que finalmente contempla o conhecimento prévio e as informações adicionais obtidas no experimento. O objetivo desse trabalho foi selecionar as melhores famílias em uma população de irmãos completos de goiabeira para novos cruzamentos para dar continuidade ao Programa de Melhoramento Genético de Goiabeira (UENF) utilizando a abordagem bayesiana. O experimento foi realizado em blocos ao acaso com duas repetições, avaliando 408 plantas (17 famílias). Devido à natureza das plantas perenes e pelo tempo e tamanho do experimento, os dados obtidos foram desbalanceados. Todas as análises foram feitas utilizando o pacote MCMCglmm::MCMCglmm no software R. Foi feita uma validação cruzada com 10 folds aleatórios (80 % dos dados para treinamento e 20 % para validação) para avaliar a estabilidade do modelo. Foi considerado um modelo misto que considera a família de efeito fixo, o bloco e indivíduo dentro da família como aleatório. Dados prévios (2016 e 2017) foram utilizados como informações a priori no modelo. Foram avaliadas as variáveis produção total de frutos por planta (PROD kg.pl-1), massa de fruto (MASS g) e massa da polpa (POLPA g). A principal característica da inferência bayesiana é a possibilidade de utilizar-se uma informação a priori, e isto possibilitou a estimação de médias mais precisas nas variáveis com dados mais desbalanceados e com menos informações (PROD). Foi observada uma boa estabilidade da cadeia MCMC, com convergência dentro do tamanho estipulado (80% de 1 Mi e thin 3). A Média a posteriori da cadeia se aproximou da média fenotípica (desvio média das famílias de 0,02), consequentemente os valores genotípicos BLUPs mais precisos permitiram a seleção de 30 indivíduos com valores positivos em ambas as variáveis.

Palavras-chave: MCMCglmm, priori informativa, plantas perenes.

Agradecimentos: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ).